

Run on: April 17, 2003, 05:07:46 : search run (without
 scoring table) (without scoring table) (without scoring table)
 Scoring table: INIDENTITY_NUC (gapopen 10.0, Gapext 1.0)
 Searched: 491362 seqs, 15338381 residues
 Total number of hits satisfying chosen parameters:
 Minimum DB seq length: 0
 Maximum DB seq length: 20000000
 Post-processing: Minimum Match 0%
 Maximum Match 100%
 Listing first 45 summaries
Result No. Score Query Match length DB ID
 1 3472 100.0 3312 3 US-US-344-521-1
 2 3668.8 99.9 3372 4 US-US-344-528-1
 3 357.6 99.6 3312 1 US-US-077-906-149A-1
 4 3357.6 99.6 3372 1 US-US-088-167-035-1
 5 3357.6 99.6 3372 1 US-US-088-167-035-1
 6 3357.6 99.6 3372 1 US-US-088-167-035-1
 7 3357.6 99.6 3372 2 US-US-088-167-035-1
 8 3357.6 99.6 3372 2 US-US-088-167-035-1
 9 2488.8 73.8 2760 2 US-US-W56-954-1
 10 648.2 19.2 5737 1 US-US-08-259-654-1
 11 395 11.7 1911 4 US-US-08-433-654-3
 12 82.8 2.5 7218 1 US-US-08-2463-14
 13 52.6 1 19124 3 US-US-68-487-R2E-13
 14 47.8 1.4 1956 4 US-US-559-896B-1
 15 46 1.4 289 4 US-US-08-659-106-1
 16 46 1.4 289 4 US-US-09-244-967-17
 17 44.4 1.3 394 4 US-US-08-975-762-47
 18 44.4 1.3 3947 4 US-US-09-295-028-47
 19 44.4 1.3 3947 4 US-US-09-198-582-47
 20 44 1.3 394 3 US-US-08-948-705-3
 21 44.8 1.3 4766 5 PCT-US-93-17261-1
 22 43.2 1.3 2277 1 US-US-08-676-967-2
 23 43.2 1.3 2277 1 US-US-08-676-974-2
 24 43.2 1.3 2277 2 US-US-09-098-487-2
 25 43 1.3 1246 2 US-US-09-198-141-1
 26 42.8 1.3 4766 4 US-US-08-416-538
 27 42.4 1.3 897 4 US-US-09-144-601-1
 28 42.4 1.3 897 4 US-US-09-144-601-1

SUMMARIES

Score No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

Copyright (C) 1993 - 2003 Compugen Ltd.

Gencore version 5.1.3

Run on: April 17, 2003, at 6:14:45 (without alignments)
 Search time: 118 seconds
 8763.678 Million cell updates/sec

(M) nucleic nucleic search, using SW model

Title: HS-09 715-983.1

perfect score: 3372

Score table: IDENTITY NUC GapOp 10.0 , GapExt 1.0

Searched: 44362 seqs, 15338381 residues

LITERACY

Sequence 2, APLIN
 Sequence 3, APLIN
 Sequence 4, APLIN
 Sequence 5, APLIN
 Sequence 6, APLIN
 Sequence 7, APLIN
 Sequence 8, APLIN
 Sequence 9, APLIN
 Sequence 10, APLIN

Db	361	GATGTTGACACAACTGGTACTCCCGATCCTGAGAGGTTCGCCCTCTGAC	420	Db	1441	TATAGAAGATAATATGCACTTCACTGAACTTAATGAAAGAAGTTGAGA	1570
QY	421	ATTGCCCGCTCTTCTTAACTGAGCTTGCGAGAACCTGAAAGAAAGTCTGAA	480	QY	1501	TTATGAAACGATTAAMATAATGAAAGAAGTCTGAA	1560
Db	421	ATTGCCCGCTCTTCTTAACTGAGCTTGCGAGAACCTGAAAGAAAGTCTGAA	480	Db	1501	TTATGAAACGATTAAMATAATGAAAGAAGTCTGAA	1560
QY	481	TCACCTCTACGACACAGCTCCAGAACCTGAAAGAAAGTCTGAA	540	QY	1561	GATACATGAACTTAATGAAAGAAAGTCTGAA	1620
Db	481	TCACCTCTACGACACAGCTCCAGAACCTGAAAGAAAGTCTGAA	540	Db	1561	GAATACATGAAAGAAAGTCTGAA	1620
QY	541	TGTGATAZACCTCTTCTTAACTGAGCTTGCGAGAACCTGAAAGAAAGTCTGAA	600	QY	1621	ATATGATAAGTGAACCTGCGAACTTGTGAGCTTC	600
Db	541	TGTGATAZACCTCTTCTTAACTGAGCTTGCGAGAACCTGAAAGAAAGTCTGAA	600	Db	1621	ATATGATAAGTGAACCTGCGAACTTGTGAGCTTC	600
QY	601	AAAGGATATGCTGACTTACCAATCTGCTTCCAGACGGTTACGTGAA	660	QY	1681	GAAGCTTAAAGAAAGTTAAAGTGAAGGCAATGAA	1680
Db	601	AAAGGATATGCTGACTTACCAATCTGCTTCCAGACGGTTACGTGAA	660	Db	1681	GAAGCTTAAAGAAAGTTAAAGTGAAGGCAATGAA	1680
Db	601	AAAGGATATGCTGACTTACCAATCTGCTTCCAGACGGTTACGTGAA	660	QY	1741	AAACGAGCTTATCCACSTGAAAGTAACTGAA	1870
QY	661	ATTCTCTTAGGTCAGAACTGACAGCTCGAGAAATATTGAGCTTCTGAA	720	Db	1741	AAACGAGCTTATCCACSTGAAAGTAACTGAA	1870
QY	721	ATTAGGTCGCTGAGCATACCTCATCATGTTGTTGAGCTTCTGAA	780	QY	1801	AAGGTGTTGAAAGTAACTGAA	1860
Db	721	ATTAGGTCGCTGAGCATACCTCATCATGTTGTTGAGCTTCTGAA	780	Db	1801	AAGGTGTTGAAAGTAACTGAA	1860
QY	781	TTCTTCAGCTCTCTCAACCTCTGAAAGAAATGTTGAA	840	QY	1861	TATCACTGTTGAAAGTAACTGAA	1920
Db	781	TTCTTCAGCTCTCTCAACCTCTGAAAGAAATGTTGAA	840	Db	1861	TATCACTGTTGAAAGTAACTGAA	1920
QY	841	ATTTCAGCCCTACCTTTCAGGTTGAGACCCAGCTGATAATGAAACCTC	900	QY	1921	GAAGCAGAACTGAAAGTAACTGAA	1980
Db	841	ATTTCAGCCCTACCTTTCAGGTTGAGACCCAGCTGATAATGAAACCTC	900	Db	1921	GAAGCAGAACTGAAAGTAACTGAA	1980
QY	901	ATTAAGTATGAAATTAACTCACTGAACTTAACTGAA	960	QY	1981	CTTGTCGCGAACTGAAAGTAACTGAA	2040
Db	901	ATTAAGTATGAAATTAACTCACTGAACTTAACTGAA	960	QY	2041	TAAGCATTTGAACTGAAAGTAACTGAA	2100
QY	961	CTGCGCTAAACGAAACCTCACTGAACTTAACTGAA	1020	Db	2041	TAAGCATTTGAACTGAAAGTAACTGAA	2100
Db	961	CTGCGCTAAACGAAACCTCACTGAACTTAACTGAA	1020	QY	2101	TGACACTTGTGAAATGAACTGAA	2160
QY	1021	TCCTACAAATGCTGAACTGAACTTAACTGAA	1080	Db	2101	TGACACTTGTGAAATGAACTGAA	2160
Db	1021	TGACACTTGTGAAATGAACTTAACTGAA	1080	QY	2161	ACACACTCTTAACTGAACTGAA	2220
QY	1081	CTTCTGAGATAGZAGACGGTACCTTGTGAACTGAA	1140	Db	2161	ACACACTCTTAACTGAACTGAA	2220
Db	1081	CTTCTGAGATAGZAGACGGACCTTGTGAACTGAA	1140	QY	2221	CTTACTCTTAACTGAACTGAA	2280
QY	1141	GATATACCTTAACTGAACTGAACTTAACTGAA	1200	Db	2221	CTTACTCTTAACTGAACTGAA	2280
Db	1141	GATATACCTTAACTGAACTTAACTGAA	1200	QY	2281	CTTACTCTTAACTGAACTGAA	2280
QY	1201	GATGTTGAAATGAACTTAACTGAA	1260	Db	2281	CTTACTCTTAACTGAACTGAA	2280
Db	1201	GATGTTGAAATGAACTTAACTGAA	1260	QY	2341	CTTACTCTTAACTGAACTGAA	2340
QY	1261	GAATACGGGATGATCTGCTGAGCTTAACTGAA	1320	Db	2341	CTTACTCTTAACTGAACTGAA	2340
Db	1261	GAATACGGGATGATCTGCTGAGCTTAACTGAA	1320	QY	2401	TGAGGAACTGAACTGAA	2460
QY	1321	CCGATCCAACTGAACTGAACTGAA	1380	Db	2401	TGAGGAACTGAACTGAA	2460
Db	1321	CCGATCCAACTGAACTGAACTGAA	1380	QY	2461	TGAGGAACTGAACTGAA	2520
QY	1381	AAAATATGAACTGAACTGAACTGAA	1440	Db	2462	TGAGGAACTGAACTGAA	2520
Db	1381	AAAATATGAACTGAACTGAACTGAA	1440	QY	2521	TGAGGAACTGAACTGAA	2580
QY	1441	TATGAACTGAACTGAACTGAACTGAA	1500	Db	2521	TGAGGAACTGAACTGAA	2580

QY	781	TITTTAAGCTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	840
Db	1861	TTCCTAACGTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	840
QY	841	ATTTCAGCTTATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	900
Db	841	ATTTCAGCTTATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	900
QY	901	ATAAAGTTAAGCTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	960
Db	901	ATAAAGTTAAGCTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	960
QY	961	CTGCTCTTAACTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1020
Db	961	CTGCTCTTAACTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1020
QY	1021	TCTTAACTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1080
Db	1021	TCTTAACTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1080
QY	1081	CTTGTAACTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1140
Db	1081	CTTGTAACTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1140
QY	1141	GATTACTTACATAGAAAAGGGAAATAATTAATTAATTTCTGA	1200
Db	1141	GATTACTTACATAGAAAAGGGAAATAATTAATTTCTGA	1200
QY	1201	GATGGAAATATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1260
Db	1201	GATGGAAATATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1260
QY	1261	CACATGAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1320
Db	1261	CACATGAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1320
QY	1321	CGATGTTAACTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1380
Db	1321	CGATGTTAACTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1380
QY	1381	AAGAATTCTGAAATTAFACTGTTTAAAGAAAGTCAATGATGAGTA	1440
Db	1381	AAGAATTCTGAAATTAFACTGTTTAAAGAAAGTCAATGATGAGTA	1440
QY	1441	TATGAAGAATTAACCGCATCCAGGAATCCAAATGAAAGGACAGGTGAGGA	1500
Db	1441	TATGAAGAATTAACCGCATCCAGGAATCCAAATGAAAGGACAGGTGAGGA	1500
QY	1501	TAAATGAACTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1560
Db	1501	TAAATGAACTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1560
QY	1561	GAATACTGAACTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1620
Db	1561	GAATACTGAACTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1620
QY	1621	AAATGAACTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1680
Db	1621	AAATGAACTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1680
QY	1681	GAAGACTTGAAAGGAGGAGCTGAGTGTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1740
Db	1681	GAAGACTTGAAAGGAGGAGCTGAGTGTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1740
QY	1741	AAACGAACTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1800
Db	1741	AAACGAACTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1800
QY	1801	AAACGAACTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1860
Db	1801	AAACGAACTTAAATTTGAACTTAAATTTGAACTTCTGA	1860

Db	1291	AAAATTCATACTACACTCAGGAAAGGGATGAGATGAGATTA	1440	QY	2521	STGAGGAAKAGGGTTTAACTTGTATTTTGTTTGTGTTA	2580
QY	1441	TATGAAATATACCGCATCAAAATTAAAGGAGTAGTTTGGCA	1500	Db	2522	GTGAGGAAAGAAAGGTTTAACTTGTATTTTGTTTGTGTTA	2580
De	1441	TATGAAATATACCGCATCAAAATTAAAGGAGTAGTTTGGCA	1500	QY	2591	GCTGAATGTTTGTATTTTGTTTGTGTTAAGGAACTGAGA	2640
CY	1501	TCTTAACTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	1560	Db	2591	GCTGAATGTTTGTATTTTGTTTGTGTTAAGGAACTGAGA	2640
Db	1501	TCTTAACTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	1560	QY	2641	AGGTTGGTCAAGGGGTTAATGGTGGTTGAGCTGTTACATC	2700
QY	1561	GAATACATGAGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	1620	Db	2641	AGGTTGGTCAAGGGGTTAATGGTGGTTGAGCTGTTACATC	2700
Db	1561	GAATACATGAGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	1620	QY	2701	GCACGTTGTTTGTAAAGGAACTGAGAATGAAAGGTTGAA	2760
QY	1621	AAATGATTAATGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	1680	Db	2701	GCACGTTGTTTGTAAAGGAACTGAGAATGAAAGGTTGAA	2760
Db	1621	AAATGATTAATGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	1680	QY	2761	CTAACGAGCTTGTAAATTTAATTTGTTGAGAAATGAACTTAA	2820
CY	1681	GAAGGCTTAAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG	1740	Db	2761	CTAACGAGCTTGTAAATTTAATTTGTTGAGAAATGAACTTAA	2820
Db	1681	GAAGGCTTAAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG	1740	QY	2821	AJAATGTTGAAATTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2880
QY	1741	AAACGAGCTTGTAAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG	1800	Db	2821	NGAGGTTGAAATTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2880
Db	1741	AAACGAGCTTGTAAAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG	1800	QY	2881	AJTTGAAAGGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2940
QY	1801	AAAGGTTGGAAATGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	1860	Db	2881	AGTTGAAAGGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2940
Db	1801	AAAGGTTGGAAATGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	1860	QY	2941	TCACAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	3000
QY	1861	TATCACTTGTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	1920	Db	2941	TCACAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	3000
Db	1861	TATCACTTGTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	1920	QY	3061	TTAACTGTTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	3120
QY	1921	GAAGGAAATGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	1980	Db	3061	TTAACTGTTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	3120
Db	1921	GAAGGAAATGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	1980	QY	3121	GTCCCGAGTTTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	3180
QY	1981	GTTGGTGGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAA	2040	Db	3121	GTCCCGAGTTTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	3180
Db	1981	GTTGGTGGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAA	2040	QY	3181	TGCGAGTAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAA	3240
QY	2041	CTAAATTTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2100	Db	3181	TGCGAGTAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAAAGGAA	3240
Db	2041	CTAAATTTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2100	QY	3241	TGTAGGATGACCTTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG	3300
QY	2101	TCTGAGCTTGTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2160	Db	3241	TGTAGGATGACCTTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG	3300
Db	2101	TCTGAGCTTGTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2160	QY	3301	TGTTGTTGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG	3360
Db	2161	TTTAACCTTGTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2220	Db	3301	TGTTGTTGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGGAGG	3360
Db	2161	TTTAACCTTGTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2220	QY	3361	CGAATTCACCTGG	3372
CY	2221	GGATTTTTTGTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2280	Db	3361	CGAATTCACCTGG	3372
Db	2221	GGATTTTTTGTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2280	Db	3361	CGAATTCACCTGG	3372
QY	2281	GCTCTTGTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2340	Db	3361	CGAATTCACCTGG	3372
Db	2281	GCTCTTGTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2340	RESULT 8			
QY	2341	GGGAACTTGTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2400	US-08-539-005-48/C			
Db	2341	GGGAACTTGTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2400	> 41-11-49, Application US-005-48/C			
QY	2401	TCTGAGCTTGTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2460	; Parent No. 58566			
Db	2401	TCTGAGCTTGTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2460	GENPAT INFORMATION			
QY	2461	TCTGAGCTTGTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2520	APPLICANT Sclesinger, Joseph			
Db	2461	TCTGAGCTTGTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2520	APPLICANT Schlesinger, Edward Y.			
QY	2521	TCTGAGCTTGTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2580	TITLE OF INVENTION: IDENTIFYING TARGET PROTEINS FOR PARASYNTHETIC TYROSINE KINASES AND NOVEL TARGET PROTEINS			
Db	2521	TCTGAGCTTGTGAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAACTTAA	2580	TITLE OF INVENTION: IDENTIFYING TARGET PROTEINS FOR PARASYNTHETIC TYROSINE KINASES AND NOVEL TARGET PROTEINS			

Version #1.30

```

>DB_2; Length 3372;
    thes      9; Indels   0; Gaps
TTTAAATTAATGAGTTAAGCTGAGTC 60
TTTAAATTAATGAGTTAAGCTGAGTC 3313
GAGAAAGAAATATTAATGAGTC 120
ATGAGAAAGAAATATTAATGAGTC 3253
TAGCTTGGATTATGAGTC 180
STAGCTTGGATTATGAGTC 3193
CTCTAAATTAATGAGTC 240
CTCTAAATTAATGAGTC 3073
GCGAAAGAAATATGAGTC 360
GCGAAAGAAATATGAGTC 3133
GCGAAAGAAATATGAGTC 3013
CTCTAAATTAATGAGTC 420
CTCTAAATTAATGAGTC 2953
GCGAAAGAAATATGAGTC 480
GCGAAAGAAATATGAGTC 2893

```


